

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION  
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété  
Intellectuelle  
Bureau international



(43) Date de la publication internationale  
14 décembre 2000 (14.12.2000)

PCT

(10) Numéro de publication internationale  
**WO 00/75336 A2**

(51) Classification internationale des brevets<sup>7</sup>: C12N 15/37,  
A61K 39/12, C07K 16/08, 14/025

(FR). FERRIES, Estelle [FR/FR]; 18, rue des Reculettes,  
F-75013 Paris (FR).

(21) Numéro de la demande internationale:  
PCT/FR00/01513

(74) Mandataires: DEMACHY, Charles etc.; Gros-  
set-Fournier & Demachy SARL, 20, rue de Maubeuge,  
F-75009 Paris (FR).

(22) Date de dépôt international: 31 mai 2000 (31.05.2000)

(25) Langue de dépôt: français

(26) Langue de publication: français

(30) Données relatives à la priorité:  
99/07012 3 juin 1999 (03.06.1999) FR

(81) États désignés (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,  
BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK,  
DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID,  
IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT,  
LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ,  
PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT,  
TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(71) Déposants (*pour tous les États désignés sauf US*):  
BIOVECTOR THERAPEUTICS [FR/FR]; Chemin du  
Chêne Vert, Boîte postale 169, F-31676 Labège Cedex  
(FR). INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE  
LA RECHERCHE MEDICALE - INSERM [FR/FR];  
101, rue de Tolbiac, F-75854 Paris Cedex 13 (FR).

(84) États désignés (*régional*): brevet ARIPO (GH, GM, KE,  
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien  
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen  
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,  
MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM,  
GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (*pour US seulement*): CHOPPIN,  
Jeannine [FR/FR]; 45, rue Richard Gardebled, F-93110.  
Rosny-sous-Bois (FR). BOURGAULT VILLADA, Is-  
abelle [FR/FR]; 4, rue Joseph Granier, F-75007 Paris  
(FR). GUILLET, Jean-Gérard [FR/FR]; 9 bis, rue Ge-  
offroy Marie, F-75009 Paris (FR). CONNAN, Francine  
[FR/FR]; 21, rue du Progrès, F-95170 Deuil-la-Barre

Publiée:

— Sans rapport de recherche internationale, sera republiée  
dès réception de ce rapport.

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrégia-  
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et  
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de  
la Gazette du PCT.

(54) Title: POLYPEPTOPIC PROTEINIC FRAGMENTS OF E6 AND E7 HPV PROTEINS, PRODUCTION AND USE THEREOF  
IN VACCINES

(54) Titre: FRAGMENT PROTEIQUES POLYPEPTOPIQUES DES PROTEINES E6 ET E7 DE HPV, LEUR OBTENTION ET  
LEURS UTILISATIONS NOTAMMENT EN VACCINATION

(57) Abstract: The invention relates to the use of polypeptopic fragments of a determined protein in the production of medicaments  
for preventing or treating pathologies in which said protein is recognized by the cellular immune system. Said fragments are chosen  
from E6 and E7 HPV proteins. The invention also relates to polypeptopic proteinic fragments of E6 and E7 HPV proteins, a method  
for the production and the use thereof in the field of vaccination.

(57) Abrégé: La présente invention a pour objet l'utilisation de fragments polyépitopiques d'une protéine déterminée pour la pré-  
paration de médicaments destinés à la prévention ou au traitement de pathologies dans lesquelles ladite protéine est reconnue par le  
système immunitaire cellulaire, lesdits fragments polyépitopiques étant choisis parmi ceux des protéines E6 et E7 de HPV. L'inven-  
tion a également pour objet des fragments protéiques polyépitopiques des protéines E6 et E7 de HPV, leur procédé d'obtention, et  
leurs utilisations, notamment dans le domaine de la vaccination.



WO 00/75336 A2

## FRAGMENTS PROTEIQUES POLYEPITOPIQUES DES PROTEINES E6 ET E7 DE HPV, LEUR OBTENTION ET LEURS UTILISATIONS NOTAMMENT EN VACCINATION

---

5

La présente invention a pour objet des fragments protéiques polyépitopiques, tels que ceux des protéines E6 et E7 des papillomavirus humains, ou de la protéine p53 humaine, leur procédé d'obtention, et leurs utilisations, notamment dans le domaine de la vaccination thérapeutique ou préventive.

10

L'invention a plus particulièrement pour objet l'utilisation de fragments polyépitopiques d'une protéine déterminée pour la préparation de médicaments destinés à la prévention ou au traitement de pathologies dans lesquelles ladite protéine est reconnue par le système immunitaire cellulaire.

15

Avantageusement, lesdits fragments polyépitopiques sont tels que leur acide aminé N-terminal correspond à l'acide aminé N-terminal de l'épitope situé en amont d'un ou plusieurs autres épitopes d'une région polyépitopique de ladite protéine, et leur acide aminé C-terminal correspond à l'acide aminé C-terminal de l'épitope situé en aval du ou des épitopes susmentionnés de ladite région polyépitopique.

20

Ainsi, les fragments protéiques polyépitopiques susmentionnés de la présente invention correspondent avantageusement aux régions polyépitopiques d'une protéine déterminée, à savoir aux régions contenant plusieurs épitopes reconnus par les cellules T en association avec les différentes molécules du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), lesdites régions étant sélectionnées parmi celles ayant la caractéristique d'être dégradées *in vitro* en peptides plus courts par des protéasomes, tel que le protéasome 20S, lorsque le fragment protéique testé est mis en présence dudit protéasome, notamment selon la méthode détaillée suivante. Le fragment protéique (environ 75 µg lorsqu'il s'agit d'un polypeptide d'environ 30 acides aminés) est incubé à 37°C avec environ 15 µg de protéasome 20S (Calbiochem Ref 539150, La Jolla, CA, USA) dans 500 µl du tampon suivant : 20 mM Tris-HCl pH8, 0,5 mM EDTA. Des aliquots de 50 µl sont prélevés après des temps d'incubation de 24 et 48 heures, et sont analysés par chromatographie liquide haute pression (HPLC). Les produits de digestion des protéasomes sont séparés par RP-HPLC (Perkin Elmer) en utilisant une colonne C18 et un gradient acétonitrile (de 0 à 100 % contenant 0,1 % d'acide trifluoroacétique, en 90

25

30

mn, taux d'élution 0,8 ml/mn). Les produits de clivage sont détectés à 214 nm par un détecteur à absorption (759A, Applied Biosystems).

Avantageusement les régions polyépitopiques définies ci-dessus possèdent la caractéristique de contenir des acides aminés hydrophobes.

5 Les différents épitopes de la région polyépitopique de la protéine déterminée, et délimitant les fragments protéiques polyépitopiques, sont avantageusement sélectionnés parmi les peptides ;

- se liant à une molécule déterminée du CMH, notamment à une molécule de type HLA déterminé, et ce jusqu'à des concentrations d'environ  $10^{-6}$  M à environ  $10^{-10}$  M en peptide pour des concentrations d'environ  $10^{-7}$  M en molécule HLA, notamment dans  
10 les conditions décrites ci-après,

- et formant un complexe stable avec cette molécule du CMH, à savoir notamment un complexe dans lequel ledit peptide reste lié à ladite molécule pendant au moins environ 3 heures à 37°C.

15 A titre d'illustration, les épitopes susmentionnés de l'invention sont sélectionnés parmi les peptides susceptibles :

- d'une part de s'associer avec les molécules du CMH, notamment par mise en œuvre de la méthode suivante :

. incubation (notamment pendant environ 2 heures à 25°C, puis environ 15  
20 heures à 4°C) du peptide en présence de molécules du CMH, provenant de la lyse de cellules humaines ou animales, ou purifiées notamment par chromatographie d'affinité à partir de lignées cellulaires humaines ou animales,

. piégeage des complexes formés lors de l'étape précédente sur un support solide recouvert d'un premier anticorps, notamment monoclonal, reconnaissant  
25 spécifiquement les molécules du CMH dans leur conformation dépendante de leur liaison audit peptide,

. addition sur le support solide précédent d'un deuxième anticorps marqué, notamment par couplage à un marqueur radioactif, enzymatique ou fluorescent, ledit anticorps marqué reconnaissant spécifiquement soit les chaînes lourdes du CMH dans  
30 leur conformation dépendante de leur liaison au peptide, soit la chaîne légère du CMH ou la  $\beta$ 2-microglobuline se liant spécifiquement aux différentes chaînes lourdes du CMH dans leur conformation susmentionnée,

. détection, après rinçage du support solide, de l'éventuelle présence du deuxième anticorps marqué resté fixé sur le support solide, témoignant d'un effet d'association entre les molécules du CMH et le peptide étudié,

- et, d'autre part, de former un complexe avec lesdites molécules du CMH, dont la stabilité peut être évaluée par mise en œuvre d'une méthode de suivi dans le temps de la liaison établie entre le peptide et les molécules du CMH, cette méthode étant avantageusement effectuée selon un protocole identique à la méthode précédente, mais dans laquelle l'étape d'incubation du peptide en présence des molécules du CMH sur le support solide recouvert dudit premier anticorps, est précédée par une étape préalable d'élimination du peptide libre susceptible d'être présent dans le milieu réactionnel, notamment par lavage du support solide, ladite étape d'incubation étant effectuée (avantageusement à une température de 37°C) pendant des temps variables de 1h, 3h, 5h, 24h et 48h.

Comme mentionné ci-dessus, les épitopes de l'invention doivent être reconnus par les cellules T en association avec les molécules du CMH et s'associer à ces dernières, notamment dans le cadre de la mise en œuvre du test de reconnaissance décrit ci-dessus. Cette association peut être faible (détectable à des concentrations en analogues peptidiques de l'ordre de  $10^{-4}$  à  $10^{-5}$  M), intermédiaire (détectable à des concentrations en analogues peptidiques de l'ordre de  $10^{-6}$  à  $10^{-7}$  M), ou forte (détectable à des concentrations en analogues peptidiques de l'ordre de  $10^{-8}$  à  $10^{-9}$  M). Les peptides associés aux molécules du CMH dans le cadre de la présente invention sont de préférence susceptibles de se lier pendant au moins environ 3 heures auxdites molécules du CMH.

L'invention a plus particulièrement pour objet les épitopes (encore désignés peptides ci-dessus et ci-après) tels que décrits ci-dessus et caractérisés en ce qu'ils sont sélectionnés parmi ceux susceptibles :

- d'induire *in vitro* la cytolyse par des lymphocytes T cytotoxiques, de cellules cibles présentant à leur surface le peptide susmentionné associé aux molécules du CMH, lesdits lymphocytes T cytotoxiques étant avantageusement prélevés sur un patient atteint d'une pathologie dans laquelle est impliqué le peptide étudié,
- et d'induire *in vitro* la sécrétion de cytokines (ou interleukines) par les lymphocytes T cytotoxiques susmentionnés, notamment IL-2, IL-4 ou l'interféron  $\gamma$ .

Le cas échéant, les épitopes susmentionnés sont choisis parmi ceux capables d'induire *in vitro* l'apparition et la croissance de lymphocytes T cytotoxiques à partir de cellules humaines ou animales, notamment à partir de cellules mononucléées issues du sang périphérique (PBMC), en présence de facteurs nécessaires à la croissance et la différenciation des cellules T cytotoxiques.

Les fragments protéiques polyépitopiques de l'invention sont davantage caractérisés en ce qu'ils sont susceptibles de contenir des épitopes CD4 reconnus par les cellules T auxiliaires en association avec les molécules du CMH de classe II, cette propriété favorisant l'induction et le maintien des cellules T CD8<sup>+</sup> reconnaissant les épitopes compris dans lesdits fragments.

La présente invention est illustrée à l'aide des figures 1 et 2 représentant respectivement les séquences peptidiques de la protéine E6 et E7 de la souche 16 des papillomavirus humains (HPV 16), ainsi que les fragments polyépitopiques de l'invention, et les épitopes au sein de ces fragments.

L'invention a plus particulièrement pour objet les fragments polyépitopiques de la protéine E6 ou E7 d'HPV, et plus particulièrement ceux de la protéine E6 représentée sur la figure 1, ou par SEQ ID NO : 2, ou de la protéine E7, représentée sur la figure 2, ou par SEQ ID NO : 11, de HPV 16, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 15 à environ 30 acides aminés, cette séquence peptidique contenant les séquences en acides aminés d'au moins 3 épitopes différents, et de préférence d'au moins 4 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 4 molécules HLA de différents types, et de préférence au moins 5 molécules HLA de différents types, se lient à ces épitopes, ces 4 ou 5 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A11, A24, A29, B7, B8, B18, B27, B35, B44, B51, et B62.

Avantageusement, les fragments polyépitopiques selon l'invention sont tels que le nombre d'acides aminés de leur séquence peptidique est supérieur ou égal à 17, et inférieur ou égal à 30.

L'invention concerne plus particulièrement les fragments polyépitopiques de la protéine E6 de HPV définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 15 à 30 acides aminés, cette séquence peptidique contenant les séquences en acides aminés d'au moins 5 épitopes différents, et de

préférence d'au moins 6 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 6 molécules HLA de différents types, et de préférence au moins 7 molécules HLA de différents types se lient à ces épitopes, ces 6 ou 7 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A11, A24, A29, B7, B8, B18, B27, B35, B44, et B51.

Avantageusement, les fragments polyépitopiques de la protéine E6 selon l'invention, sont tels que le nombre d'acides aminés de leur séquence peptidique est supérieur ou égal à 20 (de préférence supérieur ou égal à 22), et inférieur ou égal à 30.

Avantageusement encore, les fragments polyépitopiques susmentionnés de la protéine E6 de HPV, sont caractérisés en ce qu'ils comprennent tous un épitope se liant à la molécule HLA de type B35, un épitope se liant à la molécule HLA de type B44, et un épitope se liant à la molécule HLA de type B51.

L'invention a plus particulièrement pour objet, le fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 30 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 15 et 44 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, et caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 4 suivante :

(15)RPRKLPQLCTELQTTIHDIILECVYCKQQL(44)

ledit fragment contenant 9 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 8 molécules HLA de types suivants : A2, A11, A29, B7, B8, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (15)RPRKLPQL(22) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, ou B35,
- (18)KLPQLCTEL(26) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (19)LPQLCTEL(26) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B51,
- (21)QLCTELQTTI(30) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (24)TELQTTIHDI(33) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (29)TIHDILRCV(38) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (33)IILECVYCK(41) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A11,
- (35)LECVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (37)CVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8.

L'invention concerne également le fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 17

acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 46 et 62, ou au fragment de 22 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 46 et 67 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 6 suivante :

5 (46)RREVDFAFRDLCIVYRDGNPY(67)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 10 molécules HLA de types suivants : A2, A3, A11, A24, A29, B7, B27, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (46)RREVDFAFR(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- 10 - (49)VYDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (50)YDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (52)FAFRDLCIV(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2, B35, B51, ou B7,
- (54)FRDLCIVYR(62) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11,
- 15 - (59)IVYRDGNPY(67) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11.

L'invention a également pour objet le fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 29 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 80 et 108 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 8 suivante :

20 (80)ISEYRHYCYSLYGTTLEQQYNKPLCDLLI(108)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 10 molécules HLA de types suivants : A1, A3, A11, A24, A29, B7, B18, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- 25 - (80)ISEYRHYCY(88) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, ou B18,
- (81)SEYRHYCY(88) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (87)CYSLYGTTL(95) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (94)TLEQQYNK(101) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11,
- (95)LEQQYNKPL(103) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou
- 30 B44,
- (101)KPLCDLLI(108) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, B35, ou B51.

L'invention a plus particulièrement pour objet le fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au

fragment de 22 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 118 et 139 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 10 suivante :

(118)CPEEKQRHLDDKKQRFHNIRGRW(139)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 7 molécules HLA de types suivants : A24, B8, B18, B27, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (118)CPEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8, B18, B35, B51,
- (119)PEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (127)DKKQRFHNI(135) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (128)KKQRFHNIR(136) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (130)QRFHNIRGRW(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (131)RFHNIRGRW(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24.

L'invention concerne également les fragments polyépitopiques de la protéine E7 de HPV tels que définis ci-dessus, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 15 à 30 acides aminés, cette séquence peptidique contenant les séquences en acides aminés d'au moins 3 épitopes différents, et de préférence d'au moins 4 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 4 molécules HLA de différents types, et de préférence au moins 5 molécules HLA de différents types se lient à ces épitopes, ces 4 ou 5 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A11, A29, B7, B18, B35, B44, et B62.

Avantageusement, les fragments polyépitopiques de la protéine E7 selon l'invention, sont tels que le nombre d'acides aminés de leur séquence peptidique est supérieur ou égal à 17, et inférieur ou égal à 23.

Avantageusement encore, les fragments polyépitopiques de la protéine E7 de HPV susmentionné, sont caractérisés en ce qu'ils comprennent tous un épitope se liant à la molécule HLA de type B44.

L'invention a plus particulièrement pour objet le fragment polyépitopique de la protéine E7 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 23 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 3 et 25 de la séquence peptidique de la protéine E7 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 14 suivante :



## (3)GDTPTLHEYMLDLQPETTDLYCY(25)

ledit fragment contenant 5 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 6 molécules HLA de types suivants : A1, A2, B18, B35, B44, ou B62, lesdits épitopes étant les suivants :

- (3)GDTPTLHEY(11) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (5)TPTLHEYML(13) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (11)YMLDLQPETT(20) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (15)LQPETTDLY(23) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (16)QPETTDLYCY(25) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, ou B18.

L'invention concerne également le fragment polyépitopique de la protéine E7 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 17 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 44 et 60 de la séquence peptidique de la protéine E7 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 16 suivante :

## (44)QAEPDRAHYNIVTFCK(60)

ledit fragment contenant 4 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 6 molécules HLA de types suivants : A1, A3, A11, A29, B7, B18, B35, ou B44, lesdits épitopes étant les suivants :

- (44)QAEPDRAHY(52) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, ou B18,
- (45)AEPDRAHY(52) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (46)EPDRAHYNIV(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, ou B35,
- (53)NIVTFCK(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11.

L'invention a également pour objet le fragment polyépitopique de la protéine E7 de HPV tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 19 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 79 et 97 de la séquence peptidique de la protéine E7 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 18 suivante :

## (79)LEDLLMGTLGIVCPICSQK(97)

ledit fragment contenant 4 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 5 molécules HLA de types suivants : A2, A3, A11, A29, ou B44, lesdits épitopes étant les suivants :

- (79)LEDLLMGTL(87) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (82)LLMGTLGIV(90) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (86)TLGIVCPI(93) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,

- (89)IVCPICSQK(97) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11.

L'invention a également pour objet les fragments polyépitopiques de la protéine p53 humaine caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 20 à environ 35 acides aminés, cette dernière contenant les séquences en acides aminés d'au moins 3 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 3 molécules HLA de différents types soient reconnues par lesdits épitopes et se lient à ces derniers, ces 3 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A24, B7, B8, B27, B35, B44, et B62.

L'invention concerne également les fragments polyépitopiques de la protéine p53 humaine susmentionnés, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 20 à environ 35 acides aminés, cette dernière contenant les séquences en acides aminés d'au moins 5 épitopes différents, et de préférence d'au moins 6 épitopes différents se liant à des molécules HLA de type identique ou différent, de sorte qu'au moins 3 molécules HLA de différents types, et de préférence au moins 4 molécules HLA de différents types soient reconnues par lesdits épitopes et se lient à ces derniers, ces 3 ou 4 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A2, A24, B27, B35, B44, et B62.

L'invention a plus particulièrement pour objet le fragment polyépitopique de la protéine p53 humaine tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 32 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 106 et 137 de la séquence peptidique de la protéine p53, ou au fragment de 36 acides aminés délimité par les acides aminés aux positions 102 et 137 de ladite séquence peptidique, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique suivante:

(102)TYQGSYGFRLGFLHSGTAKSVTCTYSPALNKMFCQL(137)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 4 molécules HLA de types suivants : A2, A24, B35, ou B62, lesdits épitopes étant les suivants :

- (102)TYQGSYGFRL(111) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (105)GSYGFRLGFL(114) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (106)SYGFRLGFL(114) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (118)TAKSVTCTY(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (125)TYSPALNKM(134) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,

- (129)ALNKMFCQL(137) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35.

L'invention a également pour objet le fragment polyépitopique de la protéine p53 humaine tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 21 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 149 et 169 de la séquence peptidique de la protéine p53, et caractérisé par la séquence peptidique suivante:

(149)STPPPGTRVRAMAIYKQSQHM(169)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 6 molécules HLA de types suivants : A2, A3, A24, B27, B35, ou B62, lesdits épitopes étant les suivants :

- (149)STPPPGTRV(157) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (152)PPGTRVRAM(160) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (155)TRVRAMAIYK(164) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (156)RVRAMAIY(163) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (156)RVRAMAIYK(164) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3,
- (162)IYKQSQHM(169) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24.

L'invention concerne également le fragment polyépitopique de la protéine p53 humaine tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 26 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 187 et 212 de la séquence peptidique de la protéine p53, ou au fragment de 34 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 187 et 220 de ladite séquence peptidique, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique suivante:

(187)GLAPPQHLIRVEGNLRVEYLDDRNTFRHSVVVPY(220)

ledit fragment contenant 11 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 7 molécules HLA de types suivants : A1, A2, A24, B7, B8, B27, ou B44, lesdits épitopes étant les suivants :

- (187)GLAPPQHLIRV(197) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (189)APPQHLIRV(197) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7,
- (195)IRVEGNLRVEY(205) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (196)RVEGNLRVEY(205) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (197)VEGNLRVEY(205) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (201)LRVEYLDDR(209) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (203)VEYLDDRNTF(212) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (204)EYLDDRNTF(212) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,

- (210)NTFRHSVVV(218) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (211)TFRHSVVV(218) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (212)FRHSVVVPY(220) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27.

L'invention a également pour objet le fragment polyépitopique de la protéine p53 humaine tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 18 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 226 et 243 de la séquence peptidique de la protéine p53, et caractérisé par la séquence peptidique suivante:

(226)GSDCTTIHYNYMCNSSCM(243)

- ledit fragment contenant 3 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 3 molécules HLA de types suivants : A1, A24, ou B44, lesdits épitopes étant les suivants :
- (226)GSDCTTIHY(234) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1,
  - (227)SDCTTIHYNY(236) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
  - (235)NYMCNSSCM(243) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24.

L'invention concerne également le fragment polyépitopique de la protéine p53 humaine tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 25 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 249 et 273 de la séquence peptidique de la protéine p53, ou au fragment de 26 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 248 et 273 de ladite séquence peptidique, ou au fragment de 33 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 248 et 280 de ladite séquence peptidique, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique suivante:

(248)RRPILTIITLEDSSGNLLGRNSFEVRVCACPGR(280)

- ledit fragment contenant 8 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 6 molécules HLA de types suivants : A2, B7, B27, B35, B44, ou B62, lesdits épitopes étant les suivants :
- (248)RRPILTIITL(257) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
  - (249)RPILTIITL(257) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35 et B7,
  - (255)ITLEDSSGN(263) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
  - (257)LEDSSGNLL(265) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
  - (263)NLLGRNSF(270) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
  - (264)LLGRNSFEV(272) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
  - (266)GRNSFEVR(273) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
  - (272)VRVCACPGR(280) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27.

L'invention concerne également les séquences peptidiques dérivées des fragments polyépitopiques susmentionnés de la protéine E6 ou E7, ou de la protéine p53, notamment ;

- par substitution, et/ou suppression, et/ou addition d'un ou plusieurs acides aminés, des fragments susmentionnés, et/ou

- par modification d'au moins une liaison peptidique -CO-NH- de la chaîne peptidique des fragments susmentionnés, notamment par introduction d'une liaison du type rétro, ou rétro-inverso, et/ou

- par substitution d'au moins un acide aminé de la chaîne peptidique de la séquence ou du fragment susmentionnés, par un acide aminé non protéinogénique, lesdites séquences dérivées contenant des peptides ou pseudo-peptides se liant spécifiquement à la ou aux mêmes molécules du CMH que celles se liant aux peptides contenus dans les fragments polyépitopiques susmentionnés dont elles dérivent.

Par séquence dérivée par introduction d'une liaison rétro-inverso, il faut entendre tout analogue peptidique d'un fragment susmentionné, ledit analogue étant constitué d'une chaîne peptidique dans laquelle l'un au moins des résidus d'une part est lié à au moins un résidu voisin par une liaison -NH-CO-, et d'autre part, est de chiralité opposée à celle de ce même résidu aminoacyle dans la chaîne peptidique du peptide parent (à savoir du fragment susmentionné dont elle dérive).

Par séquence dérivée par introduction d'une liaison rétro, il faut entendre tout analogue peptidique d'un fragment susmentionné, ledit analogue étant constitué d'une chaîne peptidique dans laquelle l'un au moins des résidus, est lié à au moins un résidu voisin par une liaison -NH-CO-, la chiralité de la totalité des résidus aminoacyles impliqués dans au moins une liaison -NH-CO- étant conservée par rapport aux résidus correspondant de la chaîne peptidique du peptide parent.

Il va de soi que les liaisons -CO-NH- et -NH-CO- doivent être prises en compte dans ce qui précède, dans le sens de la chaîne peptidique parente allant de l'extrémité aminoterminal (N-terminale) vers l'extrémité carboxyterminale (C-terminale).

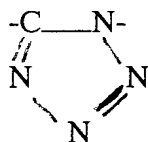
Par "acide aminé protéinogénique", on entend, dans ce qui précède, tout acide aminé entrant dans la constitution d'une protéine ou d'un peptide naturel.

Par "acide aminé non protéinogénique", on entend par opposition à la définition précédente, tout acide aminé n'entrant pas dans la constitution d'une protéine ou d'un peptide naturel. On entend plus particulièrement par "acide aminé non

protéinogénique", tout acide aminé dont le carbone portant la chaîne latérale R, à savoir le groupe -CHR-, situé entre -CO- et -NH- dans la chaîne peptidique naturelle, est remplacé par un motif n'entrant pas dans la constitution d'une protéine ou d'un peptide naturel.

5 L'invention a plus particulièrement pour objet les séquences dérivées telles que décrites ci-dessus, caractérisés en ce que l'une au moins des liaisons peptidiques -CO-NH- de la chaîne peptidique du peptide parent est remplacée par une liaison différente de la liaison -CO-NH-, ladite liaison différente étant notamment choisie parmi les suivantes :

10	-CH <sub>2</sub> -NH-	(méthylène amino) ;
	-CH <sub>2</sub> -CH <sub>2</sub> -	(carba) ;
	-CO-CH <sub>2</sub> -	(cétométhylène) ;
	-CH <sub>2</sub> -O-	(méthylène-oxy) ;
	-CHOH-CH <sub>2</sub> -	(hydroxyéthylène) ;
15	-CHOH-CHOH-	(di-hydroxyéthylène) ;
	-CH=CH-	(E ou Z oléfine) ;
	-CHCN-NH-	(cyanométhylène amino) ;
	-S-CH <sub>2</sub> -	(thiométhylène) ;
	-CH <sub>2</sub> -S-	(méthylène thio) ;
20	-CS-NH-	(thioamide) ;
	-PO <sub>2</sub> -NH-	(phosphonamide) ;
	-CHOH-	(hydroxyméthylène) ;
	-NH-CO-NH-	(urée) ;
25	-CH—CH- \  / o	(oxirane) ;



(tétrazole) ;

30	-CH <sub>2</sub> -CO-NH-	(β-homologation) ;
	-CHOH-CH <sub>2</sub> -NH-	(hydroxyéthylène amino) ;

-CO-NH-NH- (hydrazino).

L'invention a également pour objet les séquences nucléotidiques codant pour un fragment polyépitopique de la protéine E6 ou E7, ou pour une séquence peptidique dérivée, tels que définis ci-dessus, lesdites séquences nucléotidiques étant issues de la  
5 séquence SEQ ID NO : 1 codant pour la protéine E6, ou de la séquence SEQ ID NO : 11 codant pour la protéine E7.

A ce titre, l'invention a plus particulièrement pour objet les séquences nucléotidiques définies ci-dessus, choisies parmi les suivantes:

- la séquence SEQ ID NO : 3, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 4  
10 susmentionné de la protéine E6,
- la séquence SEQ ID NO : 5, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 6 susmentionné de la protéine E6,
- la séquence SEQ ID NO : 7, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 8 susmentionné de la protéine E6,
- 15 - la séquence SEQ ID NO : 9, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 10 susmentionné de la protéine E6,
- la séquence SEQ ID NO : 13, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 14 susmentionné de la protéine E7,
- la séquence SEQ ID NO : 15, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 16  
20 susmentionné de la protéine E7,
- la séquence SEQ ID NO : 17, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 18 susmentionné de la protéine E7.

L'invention a également pour objet les séquences nucléotidiques codant pour un fragment polyépitopique de la protéine p53, ou pour une séquence peptidique dérivée,  
25 tels que définis ci-dessus.

L'invention a également pour objet tout vecteur, notamment plasmide, cosmide ou phage, contenant au moins une séquence nucléotidique susmentionnée placée sous le contrôle des éléments nécessaires à la transcription de ladite séquence, notamment sous le contrôle d'un promoteur et d'un terminateur de transcription.

30 L'invention concerne également les cellules hôtes, notamment bactéries, virus, levures, cellules eucaryotes, transformées à l'aide d'un vecteur susmentionné selon l'invention, de manière à intégrer de façon stable dans leur génome ou à maintenir de

manière stable dans leur cytoplasme, au moins une séquence nucléotidique selon l'invention.

L'invention concerne également tout vecteur comprenant un ou plusieurs fragments polyépitopiques et/ou une ou plusieurs séquences peptidiques dérivées tels que définis ci-dessus, ou tout vecteur comprenant une ou plusieurs séquences nucléotidiques susmentionnées, lesdits vecteurs étant choisis parmi ceux capables d'assurer une protection desdits fragments ou séquences nucléotidiques dans l'organisme et/ou leur pénétration dans les cellules de l'organisme.

Dans le cas de l'utilisation de fragments polyépitopiques et/ou de séquences peptidiques dérivées susmentionnés, de tels vecteurs sont choisis parmi les acides gras (dans le cadre de la préparation de lipopeptides), les liposomes etc.

A ce titre, l'invention a plus particulièrement pour objet tout lipopeptide caractérisé en ce qu'il comprend:

- une partie peptidique comprenant un ou plusieurs fragments protéiques polyépitopiques choisis parmi ceux définis ci-dessus, ou toute séquence peptidique dérivée desdits fragments telle que définie ci-dessus,

- et une ou plusieurs parties lipophiles, avantageusement choisies parmi celles comprenant :

- \* une chaîne hydrocarbonée en C4 à C20, saturée ou insaturée, linéaire ou ramifiée,

- \* ou un groupe stéroïde, le cas échéant lié à la chaîne hydrocarbonée susmentionnée,

lesdites parties lipophiles étant éventuellement associées à un court peptide vecteur (pour former ainsi des motifs lipopeptidiques vecteurs) comportant une ou plusieurs fonctions ionisées à pH physiologique, et une fonction permettant la fixation covalente de ladite chaîne hydrocarbonée et/ou dudit groupe stéroïde.

Par partie lipophile, dans ce qui précède et ce qui suit, on entend toute molécule lipophile, insoluble dans l'eau, permettant, lorsqu'elle est liée à la partie peptidique définie ci-dessus, un passage intracellulaire passif du lipopeptide obtenu, grâce aux propriétés hydrophobes de ladite molécule. Avantageusement le lipopeptide résultant de la liaison de la partie lipophile à la partie peptidique, est soluble dans l'eau.

De préférence, la chaîne hydrocarbonée des parties lipophiles, est choisie parmi celles de :



- l'acide palmitique,
- l'acide oléique,
- l'acide linoléique,
- l'acide linolénique.

5 De préférence également, le groupe stéroïde de la ou des parties lipophiles, est choisi parmi les dérivés du cholestérol tel que l'acide cholest-5-ényl-3-oxy acétique, ou l'acide cholest-5-ényl-3-oxycarbonique.

10 L'invention a plus particulièrement pour objet tout lipopeptide tel que décrit ci-dessus, caractérisé en ce que la ou les parties lipophiles sont liées de façon covalente à un ou plusieurs acides aminés de la partie peptidique.

Avantageusement, la ou les parties lipophiles sont liées de façon covalente à la fonction  $\alpha\text{NH}_2$  ou  $\epsilon\text{NH}_2$  d'une lysine située en position N-terminale ou C-terminale de la partie peptidique, ou à la fonction thiol d'une cystéine, ou à toute fonction amino, alcool ou thiol éventuellement ajoutée au peptide avec un espaceur simple.

15 A ce titre, l'invention a plus particulièrement pour objet tout lipopeptide tel que défini ci-dessus, dans lequel la ou les parties lipophiles sont représentées par un groupe  $\text{N}^\alpha$ -acétyl-Lysine  $\text{N}^\epsilon$ (palmitoyl) (encore désigné par l'abréviation Ac-K(Pam)).

La présente invention a également pour objet, des micelles ou micro-agrégats d'un ou plusieurs lipopeptides différents définis ci-dessus.

20 Avantageusement, lesdits micelles ou micro-agrégats ont une taille inférieure à environ  $1\mu\text{m}$ .

25 De préférence, les micelles ou micro-agrégats selon l'invention, sont tels qu'obtenus par dispersion desdits lipopeptides dans une solution d'acide acétique concentrée à environ 80%, ou tout autre solvant capable d'assurer une dispersion moléculaire des lipopeptides en solution.

Dans le cas de l'utilisation de séquences nucléotidiques définies ci-dessus selon l'invention, les vecteurs susmentionnés sont choisis parmi les virus, notamment les rétrovirus, les adénovirus et les virus associés (AAV Adeno Associated Virus).

30 L'invention a également pour objet les anticorps dirigés contre les fragments protéiques polyépitopiques ou les épitopes ou leurs séquences peptidiques dérivées (ou analogues) tels que définis ci-dessus, lesdits anticorps étant tels qu'obtenus par immunisation d'un animal avec au moins un des complexes susmentionnés, lesdits

anticorps étant susceptibles de former un complexe avec ces fragments polyépitopiques ou ces épitopes ou leurs analogues.

Les anticorps selon l'invention sont des anticorps polyclonaux ou monoclonaux.

Les anticorps polyclonaux susmentionnés sont obtenus par immunisation d'un animal avec au moins un fragment protéique polyépitopique ou un épitope ou un analogue selon l'invention, suivie de la récupération des anticorps recherchés sous forme purifiée, par prélèvement du sérum dudit animal, et séparation desdits anticorps des autres constituants du sérum, notamment par chromatographie d'affinité sur une colonne sur laquelle est fixée un antigène spécifiquement reconnu par les anticorps, notamment un fragment protéique polyépitopique ou un épitope ou un analogue selon l'invention.

Les anticorps monoclonaux selon l'invention peuvent être obtenus par la technique des hybridomes dont le principe général est rappelé ci-après.

Dans un premier temps, on immunise un animal, généralement une souris, (ou des cellules en culture dans le cadre d'immunisations *in vitro*) avec un fragment protéique polyépitopique ou un épitope ou un analogue selon l'invention, contre lesquels les lymphocytes B de l'animal sont alors capables de produire des anticorps. Ces lymphocytes producteurs d'anticorps sont ensuite fusionnés avec des cellules myélomateuses "immortelles" (notamment murines) pour donner lieu à des hybridomes. A partir du mélange hétérogène des cellules ainsi obtenu, on effectue alors une sélection des cellules capables de produire un anticorps particulier et de se multiplier indéfiniment. Chaque hybridome est multiplié sous la forme de clones, chacun conduisant à la production d'un anticorps monoclonal dont les propriétés de reconnaissance vis-à-vis du fragment protéique polyépitopique ou épitope ou analogue de l'invention pourront être testées par exemple en ELISA, par immunotransfert en une ou deux dimensions, en immunofluorescence, ou à l'aide d'un biocapteur. Les anticorps monoclonaux ainsi sélectionnés, sont par la suite purifiés notamment selon la technique de chromatographie d'affinité décrite ci-dessus.

L'invention concerne également l'utilisation d'un ou plusieurs anticorps susmentionnés pour la mise en œuvre d'une méthode de diagnostic *in vitro* des pathologies susmentionnées.

A ce titre l'invention a également pour objet des troussees ou kits comprenant lesdits anticorps, pour la mise en œuvre d'une méthode de diagnostic telle que définie ci-dessus.

L'invention concerne également les compositions pharmaceutiques, ou vaccins, caractérisés en ce qu'ils comprennent :

\* a)

- au moins un fragment polyépitopique de la protéine E6 ou E7 tel que défini ci-dessus,

- et/ou au moins une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie ci-dessus,

- et/ou au moins un vecteur approprié, notamment des lipopeptides et/ou micelles définis ci-dessus, contenant au moins un fragment polyépitopique susmentionné de la protéine E6 ou E7, et/ou au moins une séquence dérivée susmentionnée de ces fragments,

en association avec un véhicule physiologiquement acceptable,

ledit fragment protéique polyépitopique et/ou sa séquence dérivée étant le cas échéant associés à un ou plusieurs autres épitopes exogènes reconnus par des cellules T auxiliaires (encore désignés épitopes CD4 ou T helper), lesdits épitopes étant choisis notamment parmi les suivants :

. le fragment peptidique délimité par les acides aminés situés aux positions 830 et 846 de la séquence peptidique de la toxine tétanique, ledit fragment répondant à la formule suivante : QYIKANSKFIGITELKK,

. l'hémagglutinine (Prevost-Blondel et al., 1995, J. Virol., 62, n°12, pp 8046-8055),

. l'épitope PADRE (Alexander et al., 1994, Immunity, 1, 751).

\* ou b)

- au moins une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus, codant pour un fragment polyépitopique susmentionné de la protéine E6 ou E7,

- et/ou au moins une séquence nucléotidique codant pour une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie ci-dessus,

les séquences nucléotidiques susmentionnées pouvant être utilisées nues, en tant que minigènes,

- et/ou au moins un vecteur approprié susmentionné, choisi notamment parmi les virus tels que définis ci-dessus, contenant au moins une séquence nucléotidique susmentionnée,

en association avec un véhicule physiologiquement acceptable,

\* ou c)

- des anticorps définis ci-dessus, dirigés contre un fragment polyépitopique de la protéine E6 ou E7, et/ou contre une séquence peptidique dérivée de ces fragments, tels que définis ci-dessus, en association avec un véhicule physiologiquement acceptable.

5           Avantageusement les compositions pharmaceutiques, ou vaccins, susmentionnés, se présentent sous une forme administrable par voie sous-cutanée, notamment à raison de plusieurs injections (avantageusement 3 injections) d'environ 500 µg du fragment polyépitopique sous forme lipopeptidique, à environ un mois d'intervalle.

10           L'invention a plus particulièrement pour objet l'utilisation de fragments polyépitopiques de la protéine E6 ou E7 définis ci-dessus, ou de séquences peptidiques dérivées susmentionnées, ou de séquences nucléotidiques définies ci-dessus, ou d'anticorps susmentionnés, ou de lipopeptides définis ci-dessus, pour la préparation d'un médicament ou vaccin destiné à la prévention ou au traitement de pathologies liées à l'infection d'individus par les papillomavirus humains, telles que les néoplasies  
15           cervicales intraépithéliales (CIN), le cancer invasif du col de l'utérus, les néoplasies vulvaires intraépithéliales (VIN).

L'invention concerne également les compositions pharmaceutiques, ou vaccins, caractérisés en ce qu'ils comprennent :

\* a)

20           - au moins un fragment polyépitopique de la protéine p53 tel que défini ci-dessus,  
            - et/ou au moins une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie ci-dessus,

            - et/ou au moins un vecteur approprié, notamment des lipopeptides et/ou micelles définis ci-dessus, contenant au moins un fragment polyépitopique susmentionné de la  
25           protéine p53, et/ou au moins une séquence dérivée susmentionnée de ces fragments, en association avec un véhicule physiologiquement acceptable,

            ledit fragment protéique polyépitopique et/ou sa séquence dérivée étant le cas échéant associés à un ou plusieurs autres épitopes exogènes reconnus par des cellules T auxiliaires (encore désignés épitopes CD4 ou T helper), lesdits épitopes étant choisis  
30           notamment parmi ceux définis ci-dessus,

\* ou b)

            - au moins une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus, codant pour un fragment polyépitopique susmentionné de la protéine p53,

- et/ou au moins une séquence nucléotidique codant pour une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie ci-dessus,

les séquences nucléotidiques susmentionnées pouvant être utilisées nues, en tant que minigènes,

5                   - et/ou au moins un vecteur approprié susmentionné, choisi notamment parmi les virus tels que définis ci-dessus, contenant au moins une séquence nucléotidique susmentionnée,

en association avec un véhicule physiologiquement acceptable,

\* ou c)

10                   - des anticorps définis ci-dessus, dirigés contre un fragment polyépitopique de la protéine p53, et/ou contre une séquence peptidique dérivée de ces fragments, tels que définis ci-dessus, en association avec un véhicule physiologiquement acceptable.

L'invention a également pour objet l'utilisation :

15                   - d'au moins un fragment polyépitopique de la protéine p53, choisi parmi ceux définis ci-dessus,

- et/ou d'au moins une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie ci-dessus,

20                   - ou d'au moins une séquence nucléotidique, telle que définie ci-dessus, codant pour un fragment polyépitopique de la protéine p53, et/ou pour une séquence peptidique dérivée de ce fragment, tels que définis ci-dessus,

pour la préparation d'un médicament ou vaccin destiné à la prévention ou au traitement des cancers, notamment les cancers du sein, du colon, du poumon, ou de la vessie.

25                   L'invention concerne également les peptides ou épitopes de la protéine E6 d'HPV choisis parmi les suivants :

- (19)LPQLCTEL(26) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B51,
- (21)QLCTELQTTI(30) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (24)TELQTTIHDI(33) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29 et B44,
- (33)IILECVYCK(41) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A11,
- 30                   - (35)LECVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29 et B44,
- (37)CVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (46)RREVYDFAFR(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (49)VYDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (50)YDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,

- (52)FAFRDLCIV(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2, B35, B51,
- (54)FRDLCIVYR(62) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (59)IVYRDGNPY(67) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (81)SEYRHYCY(88) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- 5 - (87)CYSLYGTTL(95) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (94)TLEQQYNK(101) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (95)LEQQYNKPL(103) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (101)KPLCDLLI(108) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, B35, B51,
- (118)CPEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8, B18, B35, B51,
- 10 - (119)PEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (127)DKKQRFHNI(135) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (128)KKQRFHNI(136) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (130)QRFHNI(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (131)RFHNI(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24.

15 L'invention concerne également les peptides ou épitopes de la protéine E7 d'HPV choisis parmi les suivants :

- (3)GDTPTLHEY(11) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (5)TPTLHEYML(13) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (15)LQPETTDLY(23) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- 20 - (16)QPETTDLYCY(25) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, B18,
- (45)AEPDRAHY(52) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (46)EPDRAHYNIV(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, ou B35,
- (53)NIVTFCK(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (79)LEDLLMGTL(87) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- 25 - (89)IVCPICSQK(97) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11.

L'invention concerne également les séquences peptidiques dérivées des peptides susmentionnés, lesdites séquences dérivées, ou analogues, étant telles que définies ci-dessus dans le cadre des séquences dérivées des fragments protéiques polyépitopiques susmentionnés.

30 L'invention a également pour objet les séquences nucléotidiques codant pour les peptides des protéines E6 ou E7 susmentionnés, à savoir :

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 43 et 66 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (15)RPRKLPQL(22),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 52 et 78 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (18)KLPQLCTEL(26),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 55 et 78 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (19)LPQLCTEL(26),
- 5       - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 61 et 90 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (21)QLCTELQTTI(30),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 70 et 99 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (24)TELQTTIHDI(33),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 97 et 123 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (33)IILECVYCK(41),
- 10       - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 103 et 132 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (35)LECVYCKQQL(44),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 109 et 132 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (37)CVYCKQQL(44),
- 15       - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 136 et 165 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (46)RREVYDFAFR(55),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 145 et 171 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (49)VYDFAFRDL(57),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 148 et 171 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (50)YDFAFRDL(57),
- 20       - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 154 et 180 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (52)FAFRDLCIV(60),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 160 et 186 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (54)FRDLCIVYR(62),
- 25       - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 175 et 201 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (59)IVYRDGNPY(67),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 241 et 264 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (81)SEYRHYCY(88),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 259 et 285 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (87)CYRLYGTTL(95),
- 30       - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 280 et 303 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (94)TLEQQYNK(101),
- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 283 et 309 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (95)LEQQYNKPL(103),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 301 et 324 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (101)KPLCDLLI(108),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 352 et 378 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (118)CPEEKQRHL(126),

5 - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 355 et 378 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (119)PEEKQRHL(126),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 379 et 405 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (127)DKKQRFHNI(135),

10 - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 382 et 408 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (128)KKQRFHNIR(136),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 388 et 417 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (130)QRFHNIRGRW(139),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 391 et 417 de la séquence SEQ ID NO : 1, codant pour (131)RFHNIRGRW(139),

15 - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 7 et 33 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (3)GDTPTLHEY(11),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 13 et 39 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (5)TPTLHEYML(13),

20 - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 43 et 69 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (15)LQPETTDLY(23),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 46 et 75 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (16)QPETTDLYCY(25),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 133 et 153 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (45)AEPDRAHY(52),

25 - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 136 et 165 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (46)EPDRAHYNIV(55),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 157 et 180 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (53)NIVTFCK(60),

30 - la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 235 et 261 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (79)LEDLLMGTL(87),

- la séquence délimitée par les nucléotides situés aux positions 265 et 291 de la séquence SEQ ID NO : 2, codant pour (89)IVCPICSQK(97).

L'invention a également pour objet les épitopes de la protéine p53 choisis parmi les suivants :



- (102)TYQGSYGFRLL(111) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (105)GSYGFRLLGFL(114) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (106)SYGFRLLGFL(114) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (118)TAKSVTCTY(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- 5 - (125)TYSPALNKMF(134) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (152)PPGTRVRAM(160) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (155)TRVRAMAIYK(164) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (156)RVRAMAIY(163) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (162)IYKQSQHM(169) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- 10 - (195)IRVEGNLRVEY(205) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (197)VEGNLRVEY(205) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (201)LRVEYLDDR(209) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (203)VEYLDDRNTF(212) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (204)EYLDDRNTF(212) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- 15 - (211)TFRHSVVV(218) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (212)FRHSVVVPY(220) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (227)SDCTTIHYN(236) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (235)NYMCNSSCM(243) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (249)RPILTIITL(257) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- 20 - (257)LEDSSGNLL(265) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (263)NLLGRNSF(270) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (266)GRNSFEVR(273) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (272)VRVCACPGR(280) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27.

L'invention a également pour objet tout procédé de préparation de fragments  
25 polyépitopiques, d'épitopes simples (peptides susmentionnés), ou de séquences dérivées,  
par synthèse peptidique classique en phase liquide ou en phase solide.

En variante, les fragments polyépitopiques, épitopes simples, ou séquences  
peptidiques dérivées, tels que définis ci-dessus selon l'invention, peuvent être obtenus  
sous forme de polypeptides recombinants par transformation de cellules hôtes  
30 appropriées telles que définies ci-dessus à l'aide de vecteurs contenant une séquence  
nucléotidique recombinante telle que définie ci-dessus selon l'invention, et récupération,  
le cas échéant après purification, du polypeptide recombinant codé par ladite séquence  
nucléotidique et produit par les cellules hôtes susmentionnées.

## REVENDICATIONS

1. Fragments polyépitopiques de la protéine E6 ou E7 de HPV caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 15 à 30 acides aminés, cette séquence peptidique contenant les séquences en acides aminés d'au moins 3 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 4 molécules HLA de différents types se lient à ces épitopes, ces 4 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A11, A24, A29, B7, B8, B18, B27, B35, B44, B51, et B62.

2. Fragments polyépitopiques selon la revendication 1, caractérisés en ce que le nombre d'acides aminés de leur séquence peptidique est supérieur ou égal à 17, et inférieur ou égal à 30.

3. Fragments polyépitopiques de la protéine E6 de HPV selon la revendication 1 ou 2, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 15 à 30 acides aminés, cette séquence peptidique contenant les séquences en acides aminés d'au moins 5 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 6 molécules HLA de différents types se lient à ces épitopes, ces 6 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A11, A24, A29, B7, B8, B18, B27, B35, B44, et B51.

4. Fragments polyépitopiques de la protéine E6 de HPV selon l'une des revendications 1 à 3, caractérisés en ce qu'ils comprennent tous un épitope se liant à la molécule HLA de type B35, un épitope se liant à la molécule HLA de type B44, et un épitope se liant à la molécule HLA de type B51.

5. Fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV selon l'une des revendications 1 à 4, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 30 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 15 et 44 de la séquence peptidique de

la protéine E6 de HPV, et caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 4 suivante:

(15)RPRKLPQLCTELQTTIHDIILECVYCKQQL(44)

ledit fragment contenant 9 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 8 molécules HLA de types suivants : A2, A11, A29, B7, B8, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (15)RPRKLPQL(22) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, ou B35,
- (18)KLPQLCTEL(26) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (19)LPQLCTEL(26) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B51,
- (21)QLCTELQTTI(30) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (24)TELQTTIHDI(33) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (29)TIHDIILRCV(38) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (33)IILECVYCK(41) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A11,
- (35)LECVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (37)CVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8.

6. Fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV selon l'une des revendications 1 à 4, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 17 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 46 et 62, ou au fragment de 22 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 46 et 67 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 6 suivante :

(46)RREVDFAFRDLCIVYRDGNPY(67)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 10 molécules HLA de types suivants : A2, A3, A11, A24, A29, B7, B27, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (46)RREVDFAFR(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (49)VYDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (50)YDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (52)FAFRDLCIV(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2, B35, B51, ou B7,
- (54)FRDLCIVYR(62) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11,
- (59)IVYRDGNPY(67) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11.

7. Fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV selon l'une des revendications 1 à 4, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 29 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 80 et 108 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 8 suivante :

(80)ISEYRHYCYSLYGTTLEQQYNKPLCDLLI(108)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 10 molécules HLA de types suivants : A1, A3, A11, A24, A29, B7, B18, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (80)ISEYRHYCY(88) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, ou B18,
- (81)SEYRHYCY(88) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (87)CYSLYGTTL(95) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (94)TLEQQYNK(101) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11,
- (95)LEQQYNKPL(103) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (101)KPLCDLLI(108) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, B35, ou B51.

8. Fragment polyépitopique de la protéine E6 de HPV selon l'une des revendications 1 à 4, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 22 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 118 et 139 de la séquence peptidique de la protéine E6 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 10 suivante :

(118)CPEEKQRHLDKKQRFHNIRGRW(139)

ledit fragment contenant 6 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 7 molécules HLA de types suivants : A24, B8, B18, B27, B35, B44, ou B51, lesdits épitopes étant les suivants :

- (118)CPEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8, B18, B35, B51,
- (119)PEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (127)DKKQRFHNI(135) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (128)KKQRFHNIR(136) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (130)QRFHNIRGRW(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (131)RFHNIRGRW(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24.

9. Fragments polyépitopiques de la protéine E7 de HPV selon la revendication 1 ou 2, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence peptidique d'environ 15 à 30 acides aminés, cette séquence peptidique contenant les séquences en acides aminés d'au moins 3 épitopes différents se liant de façon stable à des molécules HLA de type identique ou différent, lorsque ces épitopes sont obtenus par dégradation enzymatique de ladite séquence peptidique, notamment dans le protéasome, de sorte qu'au moins 4 molécules HLA de différents types se lient à ces épitopes, ces 4 molécules HLA étant choisies parmi celles de type A1, A2, A3, A11, A29, B7, B18, B35, B44, et B62.

10 Fragments polyépitopiques de la protéine E7 de HPV selon la revendication 9, caractérisés en ce qu'ils comprennent tous un épitope se liant à la molécule HLA de type B44.

11. Fragment polyépitopique de la protéine E7 de HPV selon l'une des revendications 9 ou 10, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 23 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 3 et 25 de la séquence peptidique de la protéine E7 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 14 suivante :

(3)GDTPTLHEYMLDLQPETTDLYCY(25)

ledit fragment contenant 5 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 6 molécules HLA de types suivants : A1, A2, B18, B35, B44, ou B62, lesdits épitopes étant les suivants :

- (3)GDTPTLHEY(11) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (5)TPTLHEYML(13) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- (11)YMLDLQPETT(20) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (15)LQPETTDLY(23) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (16)QPETTDLYCY(25) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, ou B18.

12. Fragment polyépitopique de la protéine E7 de HPV selon l'une des revendications 9 ou 10, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 17 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 44 et 60 de la séquence peptidique de la protéine E7 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 16 suivante :

(44)QAEPDRAHYNIVTFCK(60)

ledit fragment contenant 4 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 6 molécules HLA de types suivants : A1, A3, A11, A29, B7, B18, B35, ou B44, lesdits épitopes étant les suivants :

- (44)QAEPDRAHY(52) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, ou B18,
- (45)AEPDRAHY(52) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (46)EPDRAHYNIV(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, ou B35,
- (53)NIVTFCK(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11.

13. Fragment polyépitopique de la protéine E7 de HPV selon l'une des revendications 9 ou 10, caractérisé en ce qu'il correspond au fragment de 19 acides aminés délimité par les acides aminés situés aux positions 79 et 97 de la séquence peptidique de la protéine E7 de HPV, ce dernier fragment étant caractérisé par la séquence peptidique SEQ ID NO : 18 suivante :

(79)LEDLLMGTLGIVCPICSQK(97)

ledit fragment contenant 4 épitopes se liant de façon stable à l'une au moins des 5 molécules HLA de types suivants : A2, A3, A11, A29, ou B44, lesdits épitopes étant les suivants :

- (79)LEDLLMGTL(87) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, ou B44,
- (82)LLMGTLGIV(90) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (86)TLGIVCPI(93) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (89)IVCPICSQK(97) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, ou A11.

14. Fragments polyépitopiques de la protéine E6 ou E7 selon l'une des revendications 1 à 13, caractérisés en ce qu'ils correspondent aux séquences peptidiques dérivées des fragments polyépitopiques définis dans l'une des revendications 1 à 13, notamment ;

- par substitution, et/ou suppression, et/ou addition d'un ou plusieurs acides aminés, des fragments susmentionnés, et/ou

- par modification d'au moins une liaison peptidique -CO-NH- de la chaîne peptidique des fragments susmentionnés, notamment par introduction d'une liaison du type rétro, ou rétro-inverso, et/ou

- par substitution d'au moins un acide aminé de la chaîne peptidique de la séquence ou du fragment susmentionnés, par un acide aminé non protéinogénique,

lesdites séquences dérivées contenant des peptides ou pseudopeptides se liant spécifiquement à la ou aux mêmes molécules du CMH que celles se liant aux peptides contenus dans les fragments polyépitopiques susmentionnés dont elles dérivent.

5           15. Séquences nucléotidiques codant pour un fragment polyépitopique ou pour une séquence peptidique dérivée selon l'une des revendications 1 à 14, lesdites séquences nucléotidiques étant issues de la séquence SEQ ID NO : 1 codant pour la protéine E6, ou de la séquence SEQ ID NO : 11 codant pour la protéine E7.

10           16 Séquences nucléotidiques selon la revendication 15, choisies parmi les suivantes:

- la séquence SEQ ID NO : 3, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 4 selon la revendication 5,
  - la séquence SEQ ID NO : 5, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 6 selon la revendication 6,
  - 15   - la séquence SEQ ID NO : 7, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 8 selon la revendication 7,
  - la séquence SEQ ID NO : 9, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 10 selon la revendication 8,
  - 20   - la séquence SEQ ID NO : 13, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 14 selon la revendication 11,
  - la séquence SEQ ID NO : 15, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 16 selon la revendication 12,
  - la séquence SEQ ID NO : 17, codant pour le fragment polyépitopique SEQ ID NO : 18 selon la revendication 13.
- 25

17. Anticorps, polyclonaux ou monoclonaux, dirigés contre un fragment polyépitopique ou contre une séquence peptidique dérivée selon l'une des revendications 1 à 14.

30

18. Lipopeptide caractérisé en ce qu'il comprend:

- une partie peptidique comprenant un ou plusieurs fragments protéiques polyépitopiques, ou une séquence peptidique dérivée desdits fragments, tels que définis dans l'une des revendications 1 à 14,

- et une ou plusieurs parties lipophiles, telles que celles comprenant :

\* une chaîne hydrocarbonée en C4 à C20, saturée ou insaturée, linéaire ou ramifiée,

\* ou un groupe stéroïde, le cas échéant lié à la chaîne hydrocarbonée susmentionnée,

lesdites parties lipophiles étant éventuellement associées à un court peptide vecteur comportant une ou plusieurs fonctions ionisées à pH physiologique, et une fonction permettant la fixation covalente de ladite chaîne hydrocarbonée et/ou dudit groupe stéroïde.

19. Composition pharmaceutique, ou vaccin, caractérisés en ce qu'ils comprennent :

\* a)

- au moins un fragment polyépitopique de la protéine E6 ou E7 défini dans l'une des revendications 1 à 13,

- et/ou au moins une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie dans la revendication 14,

- et/ou au moins un vecteur approprié, notamment des lipopeptides selon la revendication 18 et/ou micelles, contenant au moins un fragment polyépitopique susmentionné de la protéine E6 ou E7, et/ou au moins une séquence dérivée susmentionnée de ces fragments,

en association avec un véhicule physiologiquement acceptable,

ledit fragment protéique polyépitopique et/ou sa séquence dérivée étant le cas échéant associés à un ou plusieurs autres épitopes exogènes reconnus par des cellules T auxiliaires, tels que le fragment peptidique délimité par les acides aminés situés aux positions 830 et 846 de la séquence peptidique de la toxine tétanique, l'hémagglutinine, ou l'épitope PADRE,

\* ou b)

- au moins une séquence nucléotidique selon la revendication 15 ou 16, codant pour un fragment polyépitopique susmentionné de la protéine E6 ou E7,

- et/ou au moins une séquence nucléotidique codant pour une séquence peptidique dérivée de ce fragment, telle que définie ci-dessus,

- et/ou au moins un vecteur approprié susmentionné, choisi notamment parmi les virus, contenant au moins une séquence nucléotidique susmentionnée,



en association avec un véhicule physiologiquement acceptable,

\* ou c)

- des anticorps selon la revendication 17, dirigés contre un fragment polyépitopique de la protéine E6 ou E7, et/ou contre une séquence peptidique dérivée de ces fragments, tels que définis ci-dessus.

20. Utilisation de fragments polyépitopiques de la protéine E6 ou E7 définis dans l'une des revendications 1 à 13, ou de séquences peptidiques dérivées selon la revendication 14, ou de séquences nucléotidiques selon la revendication 15 ou 16, ou d'anticorps selon la revendication 17, ou de lipopeptides selon la revendication 18, pour la préparation d'un médicament ou vaccin destiné à la prévention ou au traitement de pathologies liées à l'infection d'individus par les papillomavirus humains, telles que les néoplasies cervicales intraépithéliales (CIN), le cancer invasif du col de l'utérus, les néoplasies vulvaires intraépithéliales (VIN).

21. Epitopes de la protéine E6 d'HPV choisis parmi les suivants :

- (19)LPQLCTEL(26) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B51,
- (21)QLCTELQTTI(30) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2,
- (24)TELQTTIHDI(33) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29 et B44,
- (33)IILECVYCK(41) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A11,
- (35)LECVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29 et B44,
- (37)CVYCKQQL(44) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (46)RREVYDFAFR(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (49)VYDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (50)YDFAFRDL(57) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (52)FAFRDLCIV(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A2, B35, B51,
- (54)FRDLCIVYR(62) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (59)IVYRDGNPY(67) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (81)SEYRHYCY(88) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (87)CYSLYGTTL(95) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24,
- (94)TLEQQYNK(101) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- (95)LEQQYNKPL(103) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (101)KPLCDLLI(108) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, B35, B51,
- (118)CPEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8, B18, B35, B51,

- (119)PEEKQRHL(126) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (127)DKKQRFHNI(135) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B8,
- (128)KKQRFHNIR(136) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- (130)QRFHNIRGRW(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B27,
- 5 - (131)RFHNIRGRW(139) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A24.

**22. Epitopes de la protéine E7 d'HPV choisis parmi les suivants :**

- (3)GDTPTLHEY(11) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B44,
- (5)TPTLHEYML(13) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B35,
- 10 - (15)LQPETTDLY(23) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B62,
- (16)QPETTDLYCY(25) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A1, B18,
- (45)AEPDRAHY(52) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (46)EPDRAHYNIV(55) se liant de façon stable aux molécules HLA de type B7, ou B35,
- (53)NIVTFCK(60) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11,
- 15 - (79)LEDLLMGTL(87) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A29, B44,
- (89)IVCPICSQK(97) se liant de façon stable aux molécules HLA de type A3, A11.

# HPV16 protéine E6

—A29, B44—  
 —A2—  
 —B51—  
 —A2—  
 —B7, B35—  
 —A11—  
 —A2—  
 —B8—  
 —A29, B44—  
 —B27—  
 A2  
 B7, B35, B51  
 —A29, B44—  
 —A24—  
 —B27—  
 44 46  
 MHQKRTAMFQDPQERPRKLPOLCTELQTTIHDIILECVYCKQQLLRREVVYDFA

—A3, A11—  
 —A2—  
 B7, B35, B51  
 A29, B44—  
 A24—  
 —A3, A11—  
 —A29, B44—  
 —B18—  
 —A1—  
 —B7, B35—  
 —B51—  
 67 80  
 FRDLCIVYRDGNPYAVCDKCLKFYISKISEYRHYCYSLYGTTLEQQYNKPLCDL

—B44—  
 —B35, B51—  
 —B18—  
 —B8—  
 —B8—  
 —B27—  
 —B8—  
 —A24—  
 —B27—  
 108 118 139  
 LIRCINCQKPLCPEEKQRHLDKKQRFHINIRGRWTGRCMSSRSTRRETQL

Fig 1

# HPV16 protéine E7

\_\_\_\_\_ A2 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_ B35 \_\_\_\_\_ A1, B18 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_ B44 \_\_\_\_\_ B62 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_ B7, B35 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_ A29, B44 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_ A1 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_ B18 \_\_\_\_\_  
 MHGDTPTLHEYMLDLQPETTDLYCYEQLNDSSEEEIDCPAGQAEFDRAHY  
 3 25 44

—A3, A11—  
 B7, B35  
 NIVTFCKCDSTRLCVQSTHVDIRLTLEDLLMGTGLGIVCPICSQKP  
 —A29, B44— —A3, A11—  
 —A2—  
 —A2—  
 —A2—  
 60 79 97

## LISTE DE SEQUENCES

- 5 <110> BIOVECTOR THERAPEUTICS  
INSERM
- 5 <120> FRAGMENTS PROTEIQUES POLYEPITOPIQUES DE LA PROTEINE E6  
OU E7 DE HPV, LEUR OBTENTION ET LEURS UTILISATIONS  
NOTAMMENT EN VACCINATION
- 10 <130> WOB EPIT 2
- <140>  
<141>
- 15 <150> FR 9907012  
<151> 1999-06-03
- <160> 18
- 20 <170> PatentIn Ver. 2.1
- <210> 1  
<211> 477  
<212> ADN
- 25 <213> Papillomavirus humain
- <220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(477)
- 30 <400> 1  
atg cac caa aag aga act gca atg ttt cag gac cca cag gag cga ccc 48  
Met His Gln Lys Arg Thr Ala Met Phe Gln Asp Pro Gln Glu Arg Pro  
1 5 10 15
- 35 aga aag tta cca cag tta tgc aca gag ctg caa aca act ata cat gat 96  
Arg Lys Leu Pro Gln Leu Cys Thr Glu Leu Gln Thr Thr Ile His Asp  
20 25 30
- 40 ata ata tta gaa tgt gtg tac tgc aag caa cag tta ctg cga cgt gag 144  
Ile Ile Leu Glu Cys Val Tyr Cys Lys Gln Gln Leu Leu Arg Arg Glu  
35 40 45
- 45 gta tat gac ttt gct ttt cgg gat tta tgc ata gta tat aga gat ggg 192  
Val Tyr Asp Phe Ala Phe Arg Asp Leu Cys Ile Val Tyr Arg Asp Gly  
50 55 60
- 50 aat cca tat gct gta tgt gat aaa tgt tta aag ttt tat tct aaa att 240  
Asn Pro Tyr Ala Val Cys Asp Lys Cys Leu Lys Phe Tyr Ser Lys Ile  
65 70 75 80
- 55 agt gag tat aga cat tat tgt tat agt ttg tat gga aca aca tta gaa 288  
Ser Glu Tyr Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu Glu  
85 90 95
- cag caa tac aac aaa ccg ttg tgt gat ttg tta att agg tgt att aac 336  
Gln Gln Tyr Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile Arg Cys Ile Asn  
100 105 110
- 60

tgt caa aag cca ctg tgt cct gaa gaa aag caa aga cat ctg gac aaa 384  
 Cys Gln Lys Pro Leu Cys Pro Glu Glu Lys Gln Arg His Leu Asp Lys  
 115 120 125

5

aag caa aga ttc cat aat ata agg ggt cgg tgg acc ggt cga tgt atg 432  
 Lys Gln Arg Phe His Asn Ile Arg Gly Arg Trp Thr Gly Arg Cys Met  
 130 135 140

10

tct tgt tgc aga tca tca aga aca cgt aga gaa acc cag ctg tga 477  
 Ser Cys Cys Arg Ser Ser Arg Thr Arg Arg Glu Thr Gln Leu  
 145 150 155

15

<210> 2  
 <211> 158  
 <212> PRT  
 <213> Papillomavirus humain

20

<400> 2  
 Met His Gln Lys Arg Thr Ala Met Phe Gln Asp Pro Gln Glu Arg Pro  
 1 5 10 15

25

Arg Lys Leu Pro Gln Leu Cys Thr Glu Leu Gln Thr Thr Ile His Asp  
 20 25 30

Ile Ile Leu Glu Cys Val Tyr Cys Lys Gln Gln Leu Leu Arg Arg Glu  
 35 40 45

30

Val Tyr Asp Phe Ala Phe Arg Asp Leu Cys Ile Val Tyr Arg Asp Gly  
 50 55 60

Asn Pro Tyr Ala Val Cys Asp Lys Cys Leu Lys Phe Tyr Ser Lys Ile  
 65 70 75 80

35

Ser Glu Tyr Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu Glu  
 85 90 95

40

Gln Gln Tyr Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile Arg Cys Ile Asn  
 100 105 110

Cys Gln Lys Pro Leu Cys Pro Glu Glu Lys Gln Arg His Leu Asp Lys  
 115 120 125

45

Lys Gln Arg Phe His Asn Ile Arg Gly Arg Trp Thr Gly Arg Cys Met  
 130 135 140

Ser Cys Cys Arg Ser Ser Arg Thr Arg Arg Glu Thr Gln Leu  
 145 150 155

50

<210> 3  
 <211> 90  
 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle

55

<220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante

60

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(90)  
 5  
 <400> 3  
 cga ccc aga aag tta cca cag tta tgc aca gag ctg caa aca act ata 48  
 Arg Pro Arg Lys Leu Pro Gln Leu Cys Thr Glu Leu Gln Thr Thr Ile  
 1 5 10 15  
 10  
 cat gat ata ata tta gaa tgt gtg tac tgc aag caa cag tta 90  
 His Asp Ile Ile Leu Glu Cys Val Tyr Cys Lys Gln Gln Leu  
 20 25 30  
 15  
 <210> 4  
 <211> 30  
 <212> PRT  
 <213> Séquence artificielle  
 20  
 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante  
 <400> 4  
 25 Arg Pro Arg Lys Leu Pro Gln Leu Cys Thr Glu Leu Gln Thr Thr Ile  
 1 5 10 15  
 His Asp Ile Ile Leu Glu Cys Val Tyr Cys Lys Gln Gln Leu  
 20 25 30  
 30  
 <210> 5  
 <211> 66  
 35 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 40 de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante  
 <220>  
 <221> CDS  
 45 <222> (1)..(66)  
 <400> 5  
 cga cgt gag gta tat gac ttt gct ttt cgg gat tta tgc ata gta tat 48  
 Arg Arg Glu Val Tyr Asp Phe Ala Phe Arg Asp Leu Cys Ile Val Tyr  
 50 1 5 10 15  
 aga gat ggg aat cca tat 66  
 Arg Asp Gly Asn Pro Tyr  
 20  
 55  
 <210> 6  
 <211> 22  
 <212> PRT  
 60 <213> Séquence artificielle  
 <223> Description de la séquence artificielle: fragment

de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
peptidique correspondante

5 <400> 6  
Arg Arg Glu Val Tyr Asp Phe Ala Phe Arg Asp Leu Cys Ile Val Tyr  
1 5 10 15

Arg Asp Gly Asn Pro Tyr  
20

10

<210> 7  
<211> 87  
<212> ADN  
15 <213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: fragment  
de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
20 peptidique correspondante

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(87)

25

<400> 7  
att agt gag tat aga cat tat tgt tat agt ttg tat gga aca aca tta 48  
Ile Ser Glu Tyr Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu  
1 5 10 15

30  
gaa cag caa tac aac aaa ccg ttg tgt gat ttg tta att 87  
Glu Gln Gln Tyr Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile  
20 25

35

<210> 8  
<211> 29  
<212> PRT  
<213> Séquence artificielle  
40 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
peptidique correspondante

<400> 8  
45 Ile Ser Glu Tyr Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu  
1 5 10 15

Glu Gln Gln Tyr Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile  
20 25

50

<210> 9  
<211> 66  
55 <212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: fragment  
de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
60 peptidique correspondante



<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(66)  
 5  
 <400> 9  
 tgt cct gaa gaa aag caa aga cat ctg gac aaa aag caa aga ttc cat 48  
 Cys Pro Glu Glu Lys Gln Arg His Leu Asp Lys Lys Gln Arg Phe His  
 1 5 10 15  
 10  
 aat ata agg ggt cgg tgg 66  
 Asn Ile Arg Gly Arg Trp  
 20  
 15  
 <210> 10  
 <211> 22  
 <212> PRT  
 <213> Séquence artificielle  
 20  
 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 de la séquence codant pour E6 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante  
 <400> 10  
 25 Cys Pro Glu Glu Lys Gln Arg His Leu Asp Lys Lys Gln Arg Phe His  
 1 5 10 15  
 Asn Ile Arg Gly Arg Trp  
 20  
 30  
 <210> 11  
 <211> 297  
 35 <212> ADN  
 <213> Papillomavirus humain  
 <220>  
 <221> CDS  
 40 <222> (1)..(297)  
 <400> 11  
 atg cat gga gat aca cct aca ttg cat gaa tat atg tta gat ttg caa 48  
 Met His Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln  
 45 1 5 10 15  
 cca gag aca act gat ctc tac tgt tat gag caa tta aat gac agc tca 96  
 Pro Glu Thr Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Glu Gln Leu Asn Asp Ser Ser  
 20 25 30  
 50 gag gag gag gat gaa ata gat ggt cca gct gga caa gca gaa ccg gac 144  
 Glu Glu Glu Asp Glu Ile Asp Gly Pro Ala Gly Gln Ala Glu Pro Asp  
 35 40 45  
 55 aga gcc cat tac aat att gta acc ttt tgt tgc aag tgt gac tct acg 192  
 Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys Lys Cys Asp Ser Thr  
 50 55 60  
 60 ctt cgg ttg tgc gta caa agc aca cac gta gac att cgt act ttg gaa 240  
 Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr His Val Asp Ile Arg Thr Leu Glu  
 65 70 75 80

gac ctg tta atg ggc aca cta gga att gtg tgc ccc atc tgt tct cag 288  
 Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys Ser Gln  
                     85                    90                    95

5      aaa cca taa 297  
       Lys Pro

10     <210> 12  
       <211> 98  
       <212> PRT  
       <213> Papillomavirus humain

15     <400> 12  
 Met His Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln  
       1                    5                    10                    15

20     Pro Glu Thr Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Glu Gln Leu Asn Asp Ser Ser  
                     20                    25                    30

      Glu Glu Glu Asp Glu Ile Asp Gly Pro Ala Gly Gln Ala Glu Pro Asp  
                     35                    40                    45

25     Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys Lys Cys Asp Ser Thr  
                     50                    55                    60

      Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr His Val Asp Ile Arg Thr Leu Glu  
                     65                    70                    75                    80

30     Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys Ser Gln  
                     85                    90                    95

35     Lys Pro

40     <210> 13  
       <211> 69  
       <212> ADN  
       <213> Séquence artificielle

45     <220>  
       <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
             de la séquence codant pour E7 de HPV et séquence  
             peptidique correspondante

50     <220>  
       <221> CDS  
       <222> (1)..(69)

55     <400> 13  
 gga gat aca cct aca ttg cat gaa tat atg tta gat ttg caa cca gag 48  
 Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln Pro Glu  
       1                    5                    10                    15

      aca act gat ctc tac tgt tat 69  
       Thr Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr  
                     20

60

<210> 14  
 <211> 23  
 <212> PRT  
 <213> Séquence artificielle  
 5 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 de la séquence codant pour E7 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante  
  
 <400> 14  
 10 Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln Pro Glu  
 1 5 10 15  
 Thr Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr  
 20  
 15  
  
 <210> 15  
 <211> 51  
 20 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle  
  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 25 de la séquence codant pour E7 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante  
  
 <220>  
 <221> CDS  
 30 <222> (1)..(51)  
  
 <400> 15  
 caa gca gaa ccg gac aga gcc cat tac aat att gta acc ttt tgt tgc 48  
 Gln Ala Glu Pro Asp Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys  
 35 1 5 10 15  
 aag 51  
 Lys  
 40  
 <210> 16  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> Séquence artificielle  
 45 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
 de la séquence codant pour E7 de HPV et séquence  
 peptidique correspondante  
  
 <400> 16  
 50 Gln Ala Glu Pro Asp Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys  
 1 5 10 15  
 Lys  
 55  
  
 <210> 17  
 <211> 57  
 60 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle

5 <220>  
<223> Description de la séquence artificielle: fragment  
de la séquence codant pour E7 de HPV et séquence  
peptidique correspondante

10 <220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(57)

15 <400> 17  
ttg gaa gac ctg tta atg ggc aca cta gga att gtg tgc ccc atc tgt 48  
Leu Glu Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys  
1 5 10 15  
tct cag aaa 57  
Ser Gln Lys

20 <210> 18  
<211> 19  
<212> PRT  
<213> Séquence artificielle

25 <223> Description de la séquence artificielle: fragment  
de la séquence codant pour E7 de HPV et séquence  
peptidique correspondante

30 <400> 18  
Leu Glu Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys  
1 5 10 15  
Ser Gln Lys

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION  
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété  
Intellectuelle  
Bureau international



(43) Date de la publication internationale  
14 décembre 2000 (14.12.2000)

PCT

(10) Numéro de publication internationale  
**WO 00/75336 A3**

(51) Classification internationale des brevets<sup>7</sup> :  
C12N 15/37, A61K 39/12, C07K 16/08, 14/025

(FR). FERRIES, Estelle [FR/FR]; 18, rue des Reculettes,  
F-75013 Paris (FR).

(21) Numéro de la demande internationale :  
PCT/FR00/01513

(74) Mandataires : DEMACHY, Charles etc.; Gros-  
set-Fournier & Demachy SARL, 20, rue de Maubeuge,  
F-75009 Paris (FR).

(22) Date de dépôt international : 31 mai 2000 (31.05.2000)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :  
99/07012 3 juin 1999 (03.06.1999) FR

(71) Déposants (pour tous les États désignés sauf US) :  
BIOVECTOR THERAPEUTICS [FR/FR]; Chemin du  
Chêne Vert, Boîte postale 169, F-31676 Labège Cedex  
(FR). INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE  
LA RECHERCHE MEDICALE - INSERM [FR/FR];  
101, rue de Tolbiac, F-75854 Paris Cedex 13 (FR).

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,  
BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK,  
DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID,  
IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT,  
LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ,  
PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT,  
TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,  
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien  
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen  
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,  
MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM,  
GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Publiée :

— avec rapport de recherche internationale

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : CHOPPIN,  
Jeannine [FR/FR]; 45, rue Richard Gardebled, F-93110  
Rosny-sous-Bois (FR). BOURGAULT VILLADA, Is-  
abelle [FR/FR]; 4, rue Joseph Granier, F-75007 Paris  
(FR). GUILLET, Jean-Gérard [FR/FR]; 9 bis, rue Ge-  
offroy Marie, F-75009 Paris (FR). CONNAN, Francine  
[FR/FR]; 21, rue du Progrès, F-95170 Deuil-la-Barre

(88) Date de publication du rapport de recherche  
internationale: 26 juillet 2001

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrégia-  
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et  
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de  
la Gazette du PCT.

(54) Title: POLYPEPTIC PROTEINIC FRAGMENTS OF E6 AND E7 HPV PROTEINS, PRODUCTION AND USE THEREOF  
IN VACCINES

(54) Titre : FRAGMENT PROTEIQUES POLYPEPTIQUES DES PROTEINES E6 ET E7 DE HPV, LEUR OBTENTION ET  
LEURS UTILISATIONS NOTAMMENT EN VACCINATION

(57) Abstract: The invention relates to the use of polypeptopic fragments of a determined protein in the production of medicaments  
for preventing or treating pathologies in which said protein is recognized by the cellular immune system. Said fragments are chosen  
from E6 and E7 HPV proteins. The invention also relates to polypeptopic proteinic fragments of E6 and E7 HPV proteins, a method  
for the production and the use thereof in the field of vaccination.

(57) Abrégé : La présente invention a pour objet l'utilisation de fragments polyépitopiques d'une protéine déterminée pour la pré-  
paration de médicaments destinés à la prévention ou au traitement de pathologies dans lesquelles ladite protéine est reconnue par le  
système immunitaire cellulaire, lesdits fragments polyépitopiques étant choisis parmi ceux des protéines E6 et E7 de HPV. L'inven-  
tion a également pour objet des fragments protéiques polyépitopiques des protéines E6 et E7 de HPV, leur procédé d'obtention, et  
leurs utilisations, notamment dans le domaine de la vaccination.



WO 00/75336 A3

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No  
PCT/FR 00/01513

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
IPC 7 C12N15/37 A61K39/12 C07K16/08 C07K14/025

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C12N A61K C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
----------	--	-----------------------

X	EP 0 451 550 A (BEHRINGWERKE AG) 16 October 1991 (1991-10-16) claims 2,11; example 5	1-5, 14-21
---	--	---------------

X	MÜLLER M ET AL: "IDENTIFICATION OF SEROREACTIVE REGIONS OF THE HUMAN PAPILLOMAVIRUS TYPE 16 PROTEINS E4, E6, E7 AND L1" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, GB, SOCIETY FOR GENERAL MICROBIOLOGY, READING, vol. 71, 1 January 1990 (1990-01-01), pages 2709-2717, XP000318453 ISSN: 0022-1317 tableau 1 peptides 670 et 676	1-5, 14-21
---	---	---------------

-/--

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

° Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

14 November 2000

Date of mailing of the international search report

01.02.01

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

CUPIDO, M

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat. Application No  
PCT/FR 00/01513

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	SHALLY M ET AL: "THE E6 VARIANT PROTEINS E6I-E6IV OF HUMAN PAPILLOMAVIRUS 16: EXPRESSION IN CELL FREE SYSTEMS AND BACTERIA AND STUDY OF THEIR INTERACTION WITH P53" VIRUS RESEARCH,NL,AMSTERDAM, vol. 42, 1996, pages 81-96, XP000198411 ISSN: 0168-1702 page 85, left-hand column, last paragraph ---	1-5, 14-21
X	EP 0 523 391 A (BEHRINGWERKE AG) 20 January 1993 (1993-01-20) page 7, SEQ ID NO:4 ---	1-5, 14-21
X	WO 98 23635 A (UNIVERSITY OF QUEENSLAND; CSL LTD) 4 June 1998 (1998-06-04) figure 1, peptides GF51-GF53 ---	1-5, 14-21
A	WO 93 22338 A (RIJKSUNIVERSITEIT LEIDEN; KAST W ET AL.) 11 November 1993 (1993-11-11) page 4, line 21 - line 36 page 7, line 24 - line 32 -----	1-5, 14-21

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/FR 00/01513

**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)**

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claims Nos. 1-4, 14-21 in part and 5 in full

**Remark on Protest**☐  
☐

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

No protest accompanied the payment of additional search fees.



The International Searching Authority found that the international application contains multiple inventions, as follows :

1. Claims Nos. 1-4, 14-21 (in part) and 5 (in full)

Polyepitopic fragments of the HPV E6 protein binding in a stable manner with HLA molecules, defined by amino acids located in positions 15 and 44 of the HPV E6 protein ; nucleotidic sequences coding for said fragments, antibodies directed against said fragments and lipopeptides, pharmaceutical composition or vaccine containing them, and the use thereof in the preparation of a medicament.

2. Claims Nos. 1-4, 14-21 (in part) and 6 (in full)

The same, referering to the region defined by amino acids located in positions 46 and 67 of the HPV E6 protein.

3. Claims Nos. 1-4, 14-21 (in part) and 7 (in full)

The same, referering to the region defined by amino acids located in positions 80 and 108 of the HPV E6 protein.

4. Claims Nos. 1-4, 14-21 (in part) and 8 (in full)

The same, referering to the region defined by amino acids located in positions 118 and 139 of the HPV E6 protein.

5. Claims Nos. 1, 2, 9, 10, 14-21 (in part) and 11 (in full)

The same, refering to the region defined by amino acids located in positions 3 and 25of the HPV E7 protein.

6. Claims Nos. 1, 2, 9, 10, 14-21 (in part) and 12 (in full)

The same, referering to the region defined by amino acids located in positions 44 and 60 of the HPV E7 protein.

7. Claims Nos. 1, 2, 9, 10, 14-21 (in part) and 13 (in full)

The same, referering to the region defined by amino acids located in positions 79 and 97 of the HPV E7 protein.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No  
PCT/FR 00/01513

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0451550 A	16-10-1991	AU 650868 B	07-07-1994
		AU 7351591 A	26-09-1991
		CA 2038581 A	21-09-1991
		IE 910909 A	25-09-1991
		JP 4217998 A	07-08-1992
		PT 97073 A	31-10-1991
EP 0523391 A	20-01-1993	AU 667470 B	28-03-1996
		AU 1959092 A	14-01-1993
		CA 2073616 A	14-01-1993
		JP 6169781 A	21-06-1994
		US 5629161 A	13-05-1997
WO 9823635 A	04-06-1998	AU 5111298 A	22-06-1998
WO 9322338 A	11-11-1993	AU 675794 B	20-02-1997
		AU 4358693 A	29-11-1993
		AU 7197096 A	06-02-1997
		CA 2112798 A	11-11-1993
		EP 0593754 A	27-04-1994
		IL 105554 A	17-08-1999
		JP 7503975 T	27-04-1995
		NZ 253330 A	25-06-1996
		ZA 9303135 A	02-02-1994

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. a Internationale No  
PCT/FR 00/01513

## A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE

CIB 7 C12N15/37 A61K39/12 C07K16/08 C07K14/025

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

## B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 7 C12N A61K C07K

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

EPO-Internal

## C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie °	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	EP 0 451 550 A (BEHRINGWERKE AG) 16 octobre 1991 (1991-10-16) revendications 2,II; exemple 5 ---	1-5, 14-21
X	MÜLLER M ET AL: "IDENTIFICATION OF SEROREACTIVE REGIONS OF THE HUMAN PAPILLOMAVIRUS TYPE 16 PROTEINS E4, E6, E7 AND L1" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, GB, SOCIETY FOR GENERAL MICROBIOLOGY, READING, vol. 71, 1 janvier 1990 (1990-01-01), pages 2709-2717, XP000318453 ISSN: 0022-1317 tableau 1 peptides 670 et 676 --- -/-	1-5, 14-21

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

### ° Catégories spéciales de documents cités:

- "A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- "T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- "X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- "Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- "&" document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

14 novembre 2000

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

01.02.01

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

CUPIDO, M

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. Internationale No  
PCT/FR 00/01513

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	SHALLY M ET AL: "THE E6 VARIANT PROTEINS E6I-E6IV OF HUMAN PAPILLOMAVIRUS 16: EXPRESSION IN CELL FREE SYSTEMS AND BACTERIA AND STUDY OF THEIR INTERACTION WITH P53" VIRUS RESEARCH,NL,AMSTERDAM, vol. 42, 1996, pages 81-96, XP000198411 ISSN: 0168-1702 page 85, colonne de gauche, dernier alinéa ---	1-5, 14-21
X	EP 0 523 391 A (BEHRINGWERKE AG) 20 janvier 1993 (1993-01-20) page 7, SEQ ID NO:4 ---	1-5, 14-21
X	WO 98 23635 A (UNIVERSITY OF QUEENSLAND; CSL LTD) 4 juin 1998 (1998-06-04) figure 1, peptides GF51-GF53 ---	1-5, 14-21
A	WO 93 22338 A (RIJKSUNIVERSITEIT LEIDEN; KAST W ET AL.) 11 novembre 1993 (1993-11-11) page 4, ligne 21 - ligne 36 page 7, ligne 24 - ligne 32 -----	1-5, 14-21

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

La demande internationale n°  
PCT/FR 00/01513

## Cadre I Observations - lorsqu'il a été estimé que certaines revendications ne pouvaient pas faire l'objet d'une recherche (suite du point 1 de la première feuille)

Conformément à l'article 17.2)a), certaines revendications n'ont pas fait l'objet d'une recherche pour les motifs suivants:

1. ☐ Les revendications n<sup>os</sup> se rapportent à un objet à l'égard duquel l'administration n'est pas tenue de procéder à la recherche, à savoir:
2. ☐ Les revendications n<sup>os</sup> se rapportent à des parties de la demande internationale qui ne remplissent pas suffisamment les conditions prescrites pour qu'une recherche significative puisse être effectuée, en particulier:
3. ☐ Les revendications n<sup>os</sup> sont des revendications dépendantes et ne sont pas rédigées conformément aux dispositions de la deuxième et de la troisième phrases de la règle 6.4.a).

## Cadre II Observations - lorsqu'il y a absence d'unité de l'invention (suite du point 2 de la première feuille)

L'administration chargée de la recherche internationale a trouvé plusieurs inventions dans la demande internationale, à savoir:

voir feuille supplémentaire

1. ☐ Comme toutes les taxes additionnelles ont été payées dans les délais par le déposant, le présent rapport de recherche internationale porte sur toutes les revendications pouvant faire l'objet d'une recherche.
2. ☐ Comme toutes les recherches portant sur les revendications qui s'y prêtaient ont pu être effectuées sans effort particulier justifiant une taxe additionnelle, l'administration n'a sollicité le paiement d'aucune taxe de cette nature.
3. ☐ Comme une partie seulement des taxes additionnelles demandées a été payée dans les délais par le déposant, le présent rapport de recherche internationale ne porte que sur les revendications pour lesquelles les taxes ont été payées, à savoir les revendications n<sup>os</sup>
4. ☒ Aucune taxe additionnelle demandée n'a été payée dans les délais par le déposant. En conséquence, le présent rapport de recherche internationale ne porte que sur l'invention mentionnée en premier lieu dans les revendications; elle est couverte par les revendications n<sup>os</sup> revendications: 1-4, 14-21, partiellement et 5, complètement.

Remarque quant à la réserve

- ☐ Les taxes additionnelles étaient accompagnées d'une réserve de la part du déposant.
- ☐ Le paiement des taxes additionnelles n'était assorti d'aucune réserve.

## SUITE DES RENSEIGNEMENTS INDIQUES SUR PCT/ISA/ 210

L'administration chargée de la recherche internationale a trouvé plusieurs (groupes d') inventions dans la demande internationale, à savoir:

1. revendications: 1-4, 14-21 (partiellement) et 5 (complètement)

Fragments polyépitopiques de la protéine E6 de HPV, se liant de façon stable à des molécules HLA, délimité par les acides aminés situés aux positions 15 et 44 de la protéine E6 de HPV; séquences nucléotidiques codant pour ces fragments, anticorps dirigés contre ces fragments et lipopeptides, composition pharmaceutique ou vaccin les contenant, ainsi que leur utilisation pour la préparation d'un médicament.

2. revendications: 1-4, 14-21 (partiellement) et 6 (complètement),

La même, se rapportant à la région délimité par les acides aminés situés aux positions 46 et 67 de la protéine E6 de HPV.

3. revendications: 1-4, 14-21 (partiellement) et 7 (complètement)

La même, se rapportant à la région délimité par les acides aminés situés aux positions 80 et 108 de la protéine E6 de HPV.

4. revendications: 1-4, 14-21 (partiellement) et 8 (complètement)

La même, se rapportant à la région délimité par les acides aminés situés aux positions 118 et 139 de la protéine E6 de HPV.

5. revendications: 1,2,9,10,  
14-21 (partiellement) et 11 (complètement)

La même, se rapportant à la région délimité par les acides aminés situés aux positions 3 et 25 de la protéine E7 de HPV.

6. revendications: 1,2,9,10,  
14-21 (partiellement) et 12 (complètement)

La même, se rapportant à la région délimité par les acides aminés situés aux positions 44 et 60 de la protéine E7 de HPV.

7. revendications: 1,2,9,10,  
14-21 (partiellement) et 13 (complètement)

SUITE DES RENSEIGNEMENTS INDIQUES SUR PCT/ISA/ 210

La même, se rapportant à la région délimité par les acides aminés situés aux positions 79 et 97 de la protéine E7 de HPV.

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Dem ☐ Internationale No

PCT/FR 00/01513

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
EP 0451550 A	16-10-1991	AU 650868 B	07-07-1994
		AU 7351591 A	26-09-1991
		CA 2038581 A	21-09-1991
		IE 910909 A	25-09-1991
		JP 4217998 A	07-08-1992
		PT 97073 A	31-10-1991
-----			
EP 0523391 A	20-01-1993	AU 667470 B	28-03-1996
		AU 1959092 A	14-01-1993
		CA 2073616 A	14-01-1993
		JP 6169781 A	21-06-1994
		US 5629161 A	13-05-1997
-----			
WO 9823635 A	04-06-1998	AU 5111298 A	22-06-1998
-----			
WO 9322338 A	11-11-1993	AU 675794 B	20-02-1997
		AU 4358693 A	29-11-1993
		AU 7197096 A	06-02-1997
		CA 2112798 A	11-11-1993
		EP 0593754 A	27-04-1994
		IL 105554 A	17-08-1999
		JP 7503975 T	27-04-1995
		NZ 253330 A	25-06-1996
		ZA 9303135 A	02-02-1994
-----			